

HUBERT ANTOLAK, DOROTA KRĘGIEL

BAKTERIE KWASU OCTOWEGO – TAKSONOMIA, EKOLOGIA ORAZ WYKORZYSTANIE PRZEMYSŁOWE

Streszczenie

Bakterie kwasu octowego (AAB) należą do Gram-ujemnych, tlenowych pałeczek, szeroko rozpowszechnionych w przyrodzie. Izolowane są zarówno ze środowisk pochodzenia roślinnego, takich jak: kwiaty, owoce, miody i rośliny uprawne, jak i z zanieczyszczonych smakowych wód mineralnych oraz produktów pochodzących z ukierunkowanych i spontanicznych procesów fermentacyjnych. Taksonomia AAB charakteryzuje się dużą dynamiką. W pracy dokonano przeglądu literatury obejmującej fizjologię, morfologię i właściwości biochemiczne, które wchodzą w zakres identyfikacji polifazowej. W ciągu ostatnich lat badania polifazowe umożliwiły tworzenie nowych rodzajów i gatunków AAB. Omówiono wybrane aspekty wykorzystania bakterii kwasu octowego w przemyśle spożywczym, zwłaszcza w produkcji tradycyjnych octów winnych oraz octów regionalnych. Ponadto przedstawiono zastosowanie AAB w procesach fermentacji ziaren kakaowca oraz wytwarzania herbaty kombucha.

Słowa kluczowe: bakterie octowe, taksonomia polifazowa, ekologia, octy winne, kombucha

Wprowadzenie

Bakterie kwasu octowego (AAB, ang. acetic acid bacteria) izolowane są z owoców, miodów, produktów fermentacji alkoholowej, octów, roślin uprawnych oraz gatunków dziko rosnących [35]. Są to nieprzetrwalnikujące pałeczki o wymiarach $(0,4 \div 1 \mu\text{m}) \times (0,8 \div 4,5 \mu\text{m})$, występujące pojedynczo lub tworzące łańcuszki. Należą do bakterii tlenowych – są katalazo-dodatnie i oksydazo-ujemne. AAB są stosowane w przemyśle, m.in. do produkcji octów, celulozy bakteryjnej i farmaceutyków [36].

Proces biosyntezy kwasu octowego stanowi główny element metabolizmu tlenowego tych bakterii, z tlenem jako końcowym akceptorem elektronów w łańcuchu oddechowym. Substrat tej przemiany – etanol – utleniany jest do kwasu octowego, który

*Mgr inż. H. Antolak, dr hab. inż. D. Kręgiel, Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydz. Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź.
Kontakt: hubert.antolak@gmail.com*

u niektórych rodzajów AAB ulega dalszej oksydacji do dwutlenku węgla i wody. Proces taki nazywany jest pełnym utlenieniem kwasu octowego (nadoksydacją). Bakterie kwasu octowego, jako główny przekaźnik elektronów w łańcuchu oddechowym, wykorzystują ubiquinon Q10. Wyjątek stanowią szczepy z rodzaju *Acetobacter*, u których stwierdzono obecność koenzymu Q9.

Taksonomia

W roku 1898 Beijerinck zaproponował utworzenie rodzaju *Acetobacter*, a w 1935 r. Asai wydzielił rodzaj *Gluconobacter*. System klasyfikacji bakterii octowych określał wówczas tylko podstawowe cechy morfologiczne i biochemiczne. Uzupełnieniem klasycznych testów diagnostycznych stały się później techniki analizy molekularnej [14]. Gdy udowodniono zawodność jednej metody jako kryterium diagnostycznego, powstało określenie "polifazowy" w odniesieniu do taksonomii bakterii. Koniec lat 70. XX w. to wprowadzenie rybosomalnego rRNA jako uniwersalnego markera do szacowania relacji filogenetycznych pomiędzy mikroorganizmami. W ostatniej edycji Bergey's Manual of Systematic Bacteriology do systematyki bakterii, w tym bakterii octowych, stosuje się analizę rRNA [38].

Badania polifazowe umożliwiły utworzenie nowych rodzajów i gatunków. Rodzina *Acetobacteraceae*, należąca do klasy α -*Proteobacteria*, obejmuje obecnie 33 rodzaje, z których 14 należy do AAB: *Acetobacter*, *Gluconobacter*, *Acidomonas*, *Gluconacetobacter*, *Asaia*, *Kozakia*, *Swaminathania*, *Saccharibacter*, *Neoasaia*, *Granulibacter*, *Tanticharoenia*, *Ameyamaea*, *Komagataeibacter* i *Nguyenibacter*. Dodatkowo, jeden rodzaj AAB – *Frateuria* z rodziny *Xanthomonadaceae* należy do klasy γ -*Proteobacteria* [5, 38, 46, 51].

Taksonomia AAB nadal charakteryzuje się dużą dynamiką. Prowadzi to niejednokrotnie do braku ujednoczonej nomenklatury odnoszącej się do nazw rodzajowych lub gatunkowych. Na przykład AAB początkowo klasyfikowano jako rodzaj *Acetobacter*, później reklasyfikowano jako *Gluconacetobacter*, a ostatnio przeniesiono do nowego rodzaju *Komagataeibacter*. W konsekwencji gatunki *Komagataeibacter europaeus*, *K. hansenii* i *K. xylinus* często pojawiają się w literaturze lub podręcznikach jako AAB należące do różnych rodzajów [38, 51].

Ekologia

Bakterie kwasu octowego zasiedlają środowiska bogate w sacharydy, które stanowią dla nich źródło węgla. Niektóre gatunki należące do rodziny *Acetobacteraceae* biorą udział w spontanicznych procesach fermentacyjnych, a inne związane są z korzeniami roślin uprawnych (tab. 1). Szczepy AAB izolowane są ze środowisk klimatu tropikalnego, śródziemnomorskiego i umiarkowanego.

Gatunkiem AAB obecnym na powierzchni winogron jest *Gluconobacter oxydans*, który razem z *Acetobacter pasteurianus* występuje w świeżym moszczu gronowym. Po fermentacji alkoholowej liczba bakterii *G. oxydans* ulega znacznemu obniżeniu ze względu na niską tolerancję na etanol wytworzony przez drożdże. Sukcesję w środowisku mogą wówczas przejmować inne bakterie kwasu octowego: *Acetobacter aceti*, *A. pasteurianus* i *Gluconacetobacter hansenii* [36].

Badania bioróżnorodności bakterii octowych izolowanych z różnych owoców egzotycznych: papai (*Carica papaya*), brzoskwini (*Persica* Mill), bananów (*Musa* L.), ananasów (*Ananas comosus*), mango (*Mangifera* L.) czy pomarańczy (*Citrus* L.) wykazały, że gatunkiem powszechnie występującym jest *Acetobacter pasteurianus*.

Gatunkiem AAB ściśle związanym z owocami tropikalnego oskomianu pospolitego (*Averrhoa carambola*) jest *Acetobacter orientalis* [23]. Z kolei analiza mikroflory soku palmowego (*Cocos nucifera*) oraz soku trzciny cukrowej (*Saccharum officinarum*) pozwoliła na wyizolowanie z tego materiału szczepu *Gluconacetobacter liquefaciens* [35]. Termotolerancyjny szczep *Acetobacter senegalensis* został wyizolowany z owoców mango uprawianych w Senegalu [30]. W Japonii wyizolowano 11 szczepów z rodzaju *Acetobacter*, zasiedlających łądygi trzciny cukrowej (*Saccharum officinarum*), owoce papai (*Carica papaya*), owoce granatu (*Punica granatum*), owoce śliwy japońskiej (*Prunus salicina*) czy winogron (*Vitis vinifera*). Trzy spośród wyizolowanych szczepów zostały zidentyfikowane jako nowe gatunki: *Acetobacter okinawensis*, *A. papayae* oraz *A. persici* [41]. Natomiast z kwiatów klimatu tropikalnego wyizolowano nowe szczepy, należące do rodzaju *Asaia*: *As. astilbis*, *As. platycodi* oraz *As. prunellae* [22, 42].

Bakterie octowe izolowane są także z wadliwych napojów fermentowanych, smakowych wód mineralnych i napojów bezalkoholowych [20, 21, 27]. Niekorzystna działalność bakterii AAB w winie lub piwie, polegająca na utlenianiu etanolu do kwasu octowego, powoduje pojawienie się w napoju obcego zapachu i posmaku. Zanieczyszczony produkt jest mętny, z możliwymi wyklaczeniami oraz charakterystycznym wzrostem lepkości – napój wylewa się w postaci tzw. strumienia olejowego. Odpowiedzialne za ten efekt są szczepy z rodzajów *Acetobacter*, *Gluconobacter* i *Gluconacetobacter* (*Komagataeibacter*) często rosnące w postaci biofilmu (błonki, kożucha) na powierzchni napoju. Stosowane w napojach bezalkoholowych środki konserwujące: kwas sorbowy, kwas benzoesowy i dimetylodiwęglan nie hamują wzrostu AAB. Bakterie kwasu octowego są jednak bardzo wrażliwe na pasteryzację, a ich namnażanie się zależy od obecności w środowisku wolnego tlenu. Wzrost bakterii octowych jest więc możliwy w napojach rozlewanych na zimno do butelek z tworzyw sztucznych, które są przepuszczalne dla gazów [39].

Tabela 1. Ekologia bakterii kwasu octowego

Table 1. Ecology of acetic acid bacteria

Środowisko naturalne Natural habitat	Izolowane rodzaje / gatunki Isolated genera / species	Literatura Literature
Winogrona i moszcze gronowe Grapes and grape musts	<i>Gluconobacter oxydans</i> <i>Acetobacter aceti</i> <i>Acetobacter pasteurianus</i> <i>Gluconacetobacter hansenii</i>	6, 25
Owoce egzotyczne: papaja (<i>Carica papaya</i>), brzoskwinie (<i>Persica</i> Mill), banany (<i>Musa</i> L.), ananas (<i>Ananas comosus</i>), mango (<i>Mangifera</i> L.), pomarańcza (<i>Citrus</i> L.) Exotic fruits: papaya (<i>Carica papaya</i>), peaches (<i>Persica</i> Mill), bananas (<i>Musa</i> L.), pineapple (<i>Ananas comosus</i>), mango (<i>Mangifera</i> L.), orange (<i>Citrus</i> L.)	<i>Acetobacter pasteurianus</i> <i>Acetobacter senegalensis</i>	30, 35
Owoce oskomanu pospolitego (<i>Averrhoa carambola</i>) Carambola fruits (<i>Averrhoa carambola</i>)	<i>Acetobacter orientalis</i>	23
Sok palmy kokosowej (<i>Cocos nucifera</i>), sok trzciny cukrowej (<i>Saccharum officinarum</i>) Coconut palm (<i>Cocos nucifera</i>) juice, sugar cane (<i>Saccharum officinarum</i>) juice	<i>Acetobacter liquefaciens</i> syn. <i>Gluconacetobacter liquefaciens</i>	35
Owoce granatu (<i>Punica granatum</i>), owoce śliwy japońskiej (<i>Prunus salicyna</i>), winogron (<i>Vitis vinifera</i>) Fruits of pomegranate (<i>Punica granatum</i>), Japanese plum (<i>Prunus salicyna</i>), grapes (<i>Vitis vinifera</i>)	<i>Acetobacter okinawensis</i> <i>Acetobacter papayae</i> <i>Acetobacter persici</i>	41
Kwiaty czerwonego imbiru (<i>Alpinia Purpurata</i>) Red ginger flowers (<i>Alpinia Purpurata</i>)	<i>Neoasaia chiangmaiensis</i>	47
Kwiaty tawułki (<i>Astilbe thunbergii</i> var. <i>congesta</i>); Kwiatostany roślin azjatyckich: rdestu (<i>Persicaria senticosa</i>), komeliny pospolitej (<i>Commelina communis</i>), rozwaru wielkokwiatowego (<i>Platycodon grandiflorus</i>), kryinii azjatyckiej (<i>Crinum asiaticum</i>), kwiaty drzewa storczykowego (<i>Bauhinia purpurea</i>), kwiaty ołownika (<i>Plumbago auriculata</i>) False spirea (<i>Astilbe thunbergii</i> var. <i>Congesta</i>) flowers; Inflorescences of Asian plants: knotweed (<i>Persicaria senticosa</i>), Asiatic dayflower (<i>Commelina communis</i>), balloon flower (<i>Platycodon grandiflorus</i>), giant crinum lily (<i>Crinum asiaticum</i>), orchid tree (<i>Bauhinia purpurea</i>) flowers, cape leadwort (<i>Plumbago auriculata</i>) flowers	<i>Asaia bogorensis</i> <i>Asaia lannensis</i> <i>Asaia astilbis</i> <i>Asaia platycodi</i> <i>Asaia prunellae</i>	40, 45
Smakowe wody mineralne Flavoured mineral waters	<i>Asaia lannensis</i> <i>Asaia bogorensis</i>	20, 21, 27
Napoje fermentowane Fermented drinks	<i>Gluconacetobacter hansenii</i> syn. <i>Gluconacetobacter kombuchae</i>	10, 19
Moskity (<i>Anopheles stephensi</i>) Mosquitoes (<i>Anopheles stephensi</i>)	<i>Asaia</i> sp.	12
Materiał kliniczny	<i>Asaia bogorensis</i>	1, 42

Clinical material		<i>Granulibacter bethesdensis</i>	
Korzenie krzewów kawowca (<i>Coffea arabica</i>) i trzciny cukrowej (<i>Saccharum officinarum</i>) Roots of coffee (<i>Coffea arabica</i>) and cane (<i>Saccharum officinarum</i>) plants		<i>Acetobacter peroxydans</i> syn. <i>Acetobacter pasteurianus</i> <i>Gluconacetobacter diazotrophicus</i> <i>Gluconacetobacter azotocaptans</i> <i>Gluconacetobacter johannae</i>	3, 13, 32
Fermentacja ziaren kakaowca (<i>Theobroma cacao</i>) Fermentation of cocoa beans (<i>Theobroma cacao</i>)		<i>Acetobacter ghanensis</i>	2, 4, 7, 31
Ocet Vinegar	Ocet winny Wine vinegar	<i>Acetobacter pasteurianus</i> <i>Acetobacter aceti</i> <i>Acetobacter xylinus</i> reklasifikowany na <i>Gluconacetobacter xylinus</i> reklasifikowany na <i>Komagataeibacter xylinus</i> <i>Acetobacter europaeus</i> reklasifikowany na <i>Gluconacetobacter europaeus</i> reklasifikowany na <i>Komagataeibacter europaeus</i>	48
	Ocet balsamiczny Balsamic vinegar	<i>Acetobacter pasteurianus</i> <i>Gluconacetobacter diazotrophicus</i> <i>Gluconacetobacter liquefaciens</i> <i>Acetobacter europaeus</i> reklasifikowany na <i>Gluconacetobacter europaeus</i> reklasifikowany na <i>Komagataeibacter europaeus</i>	15
	Ocet japoński (Kurosu / Komesu) Japanese vinegar (Kurosu / Komesu)	<i>Acetobacter aceti</i> <i>Acetobacter pasteurianus</i> <i>Gluconacetobacter kakiaceti</i>	18, 29
	Ocet chiński (Shanxi) Chinese vinegar (Shanxi)	<i>Gluconobacter oxydans</i> <i>Acetobacter indonesiensis</i> <i>Acetobacter malorum</i> <i>Acetobacter orientalis</i> <i>Acetobacter senegalensis</i>	33, 44
	Ocet przemysłowy – metoda powierzchniowa (orleańska) Industrial vinegar – surface (Orleans) method	<i>Acetobacter orleanensis</i>	38
	Ocet przemysłowy – metoda wstępna Industrial vinegar – submerged method	<i>Acetobacter aceti</i>	38

Niektóre szczepy bakterii kwasu octowego stymulują wzrost roślin. Wynika to ze zdolności do biologicznego wiązania azotu czy produkcji specyficznych hormonów. Do bakterii octowych wykazujących takie właściwości należą rodzaje: *Gluconacetobacter*, *Swaminathania* oraz *Acetobacter*. Przykładem AAB bytujących w korzeniach roślin uprawnych jest *Gluconacetobacter diazotrophicus*, który zasiedla korzenie indyjskiego ryżu i korzenie trzciny cukrowej uprawianej na terenach Brazylii [28]. Prócz zdolności do asymilacji azotu, jest producentem hormonów wzrostu roślin uprawnych, a także związków skierowanych przeciwko patogenom tych roślin. Nowo opisanymi

gatunkami żyjącymi w symbiozie z roślinami są *Ga. johannae* i *Ga. azotocaptans*, koegzystujące z krzewami kawy uprawianej w Meksyku [13].

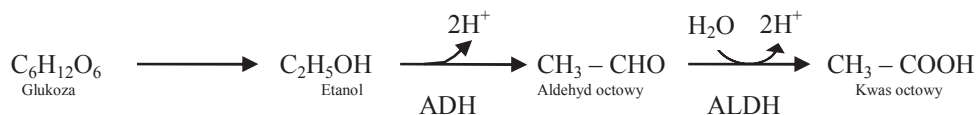
O zróżnicowanej ekologii bakterii octowych świadczy obecność niektórych z nich w jelicie samicy oraz narządach reprodukcyjnych samców komarów w Afryce – *Anopheles gambiae* oraz w Azji – *Anopheles stephensi* odpowiedzialnych za przeniesienie malarii [12].

AAB stanowią grupę mikroorganizmów saprofitycznych (niechorobotwórczych), jednak mogą wywoływać oportunistyczne infekcje u ludzi z obniżoną odpornością. Przewlekła choroba ziarniniakowa (CGD) jest rzadką chorobą dziedziczną, której istotą jest defekt formowania reaktywnych form tlenu przez komórki fagocytyczne. Mutacja genów odpowiedzialnych za kodowanie oksydazy NADPH powoduje niedobór tego enzymu, co z kolei prowadzi do wytworzenia zbyt małych ilości reaktywnych form tlenu, które niszczą bakterie, szczególnie katalazo-dodatnie. Komórki bakterii octowych izolowano od chorych na CGD zarówno z szyjki macicy, jak i nadobojczykowych węzłów chłonnych. Fenotypowa i genotypowa analiza tych bakterii potwierdziła ich przynależność do gatunku *Granulibacter bethesdensis*. Opisano także kilka przypadków bakteriemii wywołanej przez bakterie octowe z rodzaju *Asaia* u osób dorosłych, przewlekłe chorych, poddawanych okresowym dializom oraz u dzieci chorych na kardiomiopatię lub choroby nowotworowe. Szczepy oportunistyczne izolowane z materiału klinicznego charakteryzowały się zróżnicowaną opornością na antybiotyki: doksycyklinę, gentamycynę lub tetracyklinę [1, 42].

Cechy morfologiczne i biochemiczne

Bakterie kwasu octowego są pałeczkami, które wykazują zdolność ruchu dzięki urzęsieniu polarnemu (*Gluconobacter*, *Acidomonas*) lub peritrychalnemu (*Acetobacter*, *Gluconacetobacter*, *Asaia*, *Swaminathania*), chociaż niektóre rodzaje, np. *Kozakia*, *Neoasaia*, *Granulibacter*, *Saccharibacter* takiej zdolności nie wykazują [6, 7]. AAB należą do mikroorganizmów mezofilnych, ich optymalna temperatura wzrostu wynosi $25 \div 30$ °C. Szczepy pozyskane ze środowisk klimatu tropikalnego wykazują wzrost w wyższej temperaturze, wynoszącej $37 \div 40$ °C [30]. Bakterie te najlepiej rosną w środowisku o odczynie kwaśnym, którego pH wynosi $5 \div 6,5$. Namnażanie komórek możliwe jest również w podłożu o pH $3 \div 4$ [20].

Główny metabolit AAB – kwas octowy – produkowany jest z alkoholu etylowego w procesie utleniania. Proces ten katalizowany jest przez dwa enzymy związane z błoną cytoplazmatyczną bakterii: dehydrogenazę alkoholową (ADH) (EC 1.1.1.1) i dehydrogenazę aldehydową (ALDH) (EC 1.2.1.3) (rys. 1).



Rys. 1. Chemizm procesu biosyntezy kwasu octowego

Fig. 1. Process chemistry of acetic acid biosynthesis

Dehydrogenaza alkoholowa jest kompleksem składającym się z dwóch lub trzech podjednostek: jednostki o aktywności dehydrogenazy (72 ÷ 78 kDa), cytochromu c (48 kDa), ważnego dla aktywności tego enzymu oraz podjednostki białkowej o masie ok. 20 kDa, wspomagającej zasadniczą funkcję dwóch większych podjednostek. ADH jest niezależna od NAD(P), chociaż zidentyfikowano także cytoplazmatyczną dehydrogenazę alkoholową zależną od tego dinukleotydu [26]. Aktywność ADH zlokalizowanej w cytoplazmie jest o wiele niższa niż aktywność dehydrogenazy związanej z błoną, zaś optymalne pH zbliżone do obojętnego znacznie ogranicza wpływ tego enzymu na proces utleniania etanolu. Udowodniono, że dehydrogenaza alkoholowa szczepów *Acetobacter* sp. jest bardziej stabilna w środowiskach o wysokiej kwasowości (pH = 3 ÷ 4), co wyjaśnia wyższą produktywność kwasu octowego przez AAB należące tego rodzaju [26]. Dehydrogenaza aldehydowa katalizuje utlenianie aldehydu do kwasu octowego, a jej optymalne pH wynosi 4 ÷ 5. Jest aktywna nawet w środowisku o pH = 3,7, ale aktywność tego enzymu jest zależna zarówno od stężenia tlenu, jak i etanolu.

Bakterie, które zdolne są do produkcji kwasu octowego w ilościach ponad 150 g/l, są stosowane do przemysłowej produkcji octu. Oporność na wytworzony kwas octowy jest cechą szczepu. Udowodniono, że syntaza cytrynianowa (EC 2.3.3.1) odgrywa istotną rolę w oporności szczepu, gdyż wiąże kwas octowy poprzez włączenie go do cyklu Krebsa (TCA) lub cyklu gliksalowego, ale tylko wtedy, gdy w środowisku nie występuje etanol [34].

Szczepy *Acetobacter* prowadzą proces nadoksydacji, utleniając kwas octowy do CO₂ i wody w cyklu TCA, gdy zasoby etanolu w środowisku są wyczerpane. Stwierdzono, że nadoksydacja wywołuje nieodwracalne zmiany w metabolizmie bakterii octowych, po którym są już niezdolne do utleniania alkoholu etylowego. Szczepy *Gluconobacter* sp. nie wykazują zdolności nadoksydacji, w wyniku występowania u tych bakterii tzw. niefunkcjonalnego cyklu Krebsa, a zwłaszcza dwóch niefunkcjonalnych enzymów: dehydrogenazy α-ketoglutaranu (EC 1.2.4.2) i dehydrogenazy bursztynianowej (EC 1.3.99.1) [34].

Sacharydy są najkorzystniejszym źródłem węgla dla AAB. W cytoplazmie tych bakterii zlokalizowana jest zależna od NADP dehydrogenaza glukozowa (EC 1.1.5.2), a w membranie cytoplazmatycznej enzym ten występuje w formie NADP – niezależ-

nej. Glukoza jest utleniana do glukozo- δ -laktanu, a następnie do kwasu glukonowego oraz 2-ketoglukonu i kwasu 2,5-diketoglukonowego. Aktywne szczepy *G. oxydans* mogą produkować nawet 120 g/l kwasu glukonowego. Oprócz glukozy, źródłem węgla dla bakterii kwasu octowego mogą być inne sacharydy: arabinoza lub galaktoza, które metabolizowane są w szlaku pentozofosforanowym [34].

Niektóre rodzaje AAB są również zdolne do metabolizowania różnych kwasów organicznych. Uzyskują to w cyklu Krebsa. Nie dziwi więc, że szczepy *Gluconobacter* sp., które nie wykazują funkcjonalnego cyklu TCA, nie są zdolne do utleniania większości kwasów organicznych, np. octowego, cytrynowego, fumarowego, mlekowego, jabłkowego, pirogronowego lub bursztynowego. Zdolności asymilacyjne bakterii octowych mają istotne znaczenie w procesie izolowania i identyfikacji szczepów środowiskowych (tab. 2) [9].

Przemysłowe wykorzystanie bakterii octowych

Produkcja octu

Ocet jest przezroczystą bezbarwną cieczą, zawierającą zwykle 4 ÷ 15 % kwasu octowego. Chociaż ocet może oznaczać także rozcieńczony kwas octowy wytwarzany chemicznie, to termin „ocet” oznacza w tym opracowaniu kwas octowy – metabolit pierwotny, uzyskiwany metodą biologicznej konwersji etanolu do kwasu octowego.

Ocet jest tradycyjnym produktem biosyntezy, otrzymywanym z naturalnych napojów fermentowanych, zawierających zwykle 10 ÷ 15 % (v/v) alkoholu etylowego.

Surowcem do produkcji octu może być wino, cydr, piwo i inne produkty fermentacji alkoholowej zbóż, owoców, ziemniaków i roztworów sacharydów: melasy, miodu, serwatki. Specyfika octu jest uwarunkowana geograficznie, np. ocet ryżowy jest popularny w Japonii i Chinach, we Francji głównie produkowany jest ocet winny, w Wielkiej Brytanii – ocet słodowy, na Hawajach – ocet ananasowy [34].

Tradycyjne octy winne produkowane są z czerwonych lub białych win gronowych. Natomiast w produkcji octów szlachetnych, np. octu Sherry (Hiszpania) czy octu balsamicznego Aceto Balsamico Tradizionale (Włochy), wykorzystywane są unikatowe surowce gronowe. Produkcja octu balsamicznego przypomina produkcję doskonałego wina. Nazwa „balsamiczny” jest zastrzeżona dla octu wytwarzanego z moszczu gronowego odmiany białej *Trebbiano* lub czerwonej *Lambrusco*. Moszcz gronowy poddaje się gotowaniu aż do zmniejszenia objętości o ok. 1/3, co zwiększa stężenie cukrów oraz powoduje brązowienie produktu (reakcje Maillarda). Zagęszczony moszcz poddaje się fermentacji i dojrzewaniu w beczkach z dębu, kasztanowca, wiśni, morwy lub jałowca. Tradycyjny ocet balsamiczny to produkt co najmniej dwunastoletni. Na unikatowy, silnie aromatyczny smak i zapach octu balsamicznego

Tabela 2. Wybrane właściwości bakterii kwasu octowego
Table 2. Selected characteristics of acetic acid bacteria

Cecha Feature	Rodzaj / Genus													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
Urzęsenie Flagellation	Pe / -	-	Pe / -	Pe / -	Po / -	-	Pe	-	-	-	-	Po	-	Pe
Utlenianie etanolu do kwasu octowego Oxidation of ethanol to acetic acid	+	+	- / W	+	+	+	+	V	+	V	+	+	+	-
Utlenianie octanu do CO ₂ i H ₂ O Oxidation of acetate to CO ₂ and H ₂ O	+	+	+	+	-	W	W	-	-	W	-	+	+	+
Wzrost przy 0,35 % kwasu octowego Growth in the presence of 0,35 % acetic acid	+	+	-	+	+	+	+	-	+	Nd	+	+	+	W
Wzrost w obecności 30 % D -glukozy Growth in the presence of 30 % D - glucose	-	-	+	+ / -	+ / -	-	Nd	+	+	Nd	+	-	Nd	W
Produkcja celulozy Cellulose production	-	-	-	+ / -	-	-	Nd	-	Nd	Nd	Nd	Nd	V	-

Asymilacja azotu Nitrogen fixing	V	-	-	-/+	-	-	-	-	Nd	Nd	Nd	Nd	Nd	Nd	Nd	W
Skład zasad DNA [%mol G +C] G+C content (mol %)	52 - 60	63 - 66	59 - 61	55 - 66	55 - 63	56 - 57	57 - 60	52 - 53	63.1	59	66	65.6	55,8 - 63,4	56,8 - 69,4		
Forma ubichinonu Form of ubiquinone	Q-9	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10	Q-10
Produkcja kwasu octowego z: Acetic acid production from:																
D-mannitolu D-mannitol	-/+	-	+/-	+/-	+	-	-	+	W	-	-	-	-	-	-	-
Glicerolu Glycerol	-/+	-	+	+	+	+	+	-	+	V	+	W	Nd	-	-	-
Rafinozy Raffinose	-	Nd	Nd	-	-	+	Nd	-	+	Nd	Nd	Nd	Nd	-	-	-

Objaśnienia: / Explanatory notes:

1 – *Acetobacter*, 2 – *Acidomonas*, 3 – *Asaia*, 4 – *Gluconacetobacter*, 5 – *Gluconobacter*, 6 – *Kozakia*, 7 – *Swaminathania*, 8 – *Saccharibacter*, 9 – *Neosaita*, 10 – *Granulibacter*, 11 – *Tanticharoenia*, 12 – *Ameyamaea*, 13 – *Komagataeibacter*, 14 – *Nguyenibacter*.

Po – polarne / polar; Pe – peritrychalne / peritrichous; n – brak / none; + – reakcja pozytywna / positive reaction; W – słaba pozytywna reakcja / weak positive reaction; - – brak reakcji / no reaction; V – zmienne / variable; Nd – nie określone / undetermined.

Opracowano na podstawie: / Developed based on: [6, 35, 50]

składają się produkty i półprodukty powolnych procesów fermentacji wraz z produktami reakcji Maillarda. Dojrzewające, starsze partie octu uzupełnia się świeższymi i przenosi całość do kolejnych, coraz mniejszych beczek. W produkcji octu balsamicznego procesy fermentacji alkoholowej i fermentacji octowej zachodzą równolegle i powoli w ciągu całego okresu dojrzewania [38].

W krajach azjatyckich ocet wytwarza się z ryżu lub z rozcieńczonego sake. Do produkcji tradycyjnych octów chińskich stosuje się kultury *Acetobacter lovaniensis* [8, 38]. Kiedy proces biokonwersji przebiega w temperaturze wyższej niż $25 \div 30$ °C, stosuje się termoodporne szczepy *Acetobacter tropicalis* i *A. pasteurianus*. Z tradycyjnych odmian octu produkowanego z ryżu w Japonii – „Komesu”, „Kurosu”, jak i Chinach – „Wiekowy ocet Shanxi” (ang. *Shanxi Aged Vinegar*), izolowano *A. pasteurianus* oraz *A. senegalensis*, *A. indonesiensis*, *A. malorum*, *A. orientalis* oraz *Gluconobacter oxydans* [29, 43, 44]. Równie często izolowane są: *A. europaeus* (obecnie *Komagataeibacter europaeus*), *A. xylinus* (obecnie *Komagataeibacter xylinus*), *A. intermedius* (obecnie *Komagataeibacter intermedius*) [16, 23, 51]. W innych krajach Azji, z octów regionalnych izolowane są AAB należące do gatunków: *A. senegalensis*, *A. indonesiensis*, *A. malorum*, *A. orientalis*, *Gluconacetobacter kakaiceti* i *Ga. medellinensis* [18].

W produkcji przemysłowej stosuje się głównie tlenowe AAB, należące do *Acetobacter* sp., znacznie rzadziej beztlenowe bakterie z rodzaju *Clostridium*. Dobry szczep produkcyjny powinien charakteryzować się wysoką produktywnością, tolerancją na wysokie stężenie kwasu octowego, niewielkimi wymaganiami pokarmowymi, niezdolnością do nadoksydacji oraz opornością na infekcje fagowe [37].

Inne produkty fermentowane

Należąca do tradycyjnej żywności fermentowanej herbata kombucha zawdzięcza swoje charakterystyczne walory smakowe symbiotycznemu działaniu drożdży i bakterii kwasu octowego. Napój ten wytwarzany jest głównie z liści czarnej i białej herbaty, jednak stosowane są również herbaty zielone [19]. Enzym β -fruktofuranozydaza (EC 3.2.1.2.6) hydrolizuje sacharozę, w wyniku czego powstają cukry proste utleniane przez bakterie octowe do kwasu glukonowego. Herbata ta znana jest w Azji od ponad dwóch tysięcy lat, a na rynkach światowych zyskuje coraz większą popularność, m.in. ze względu na walory prozdrowotne. Wynika to z zawartości polifenoli, kwasu glukonowego, kwasu mlekowego, witamin, aminokwasów, antybiotyków i mikroelementów [11, 24, 49]. Wykazano, że za ogół procesów fermentacyjnych odpowiedzialne są szczepy: *Acetobacter aceti*, *A. xylinus* (obecnie *Komagataeibacter xylinus*), *A. pasteurianus* oraz bakterie z rodzaju *Gluconobacter* [24].

Proces fermentacji z udziałem AAB stosuje się także w obróbce ziaren kakaowca. W badaniach prowadzonych nad bioróżnorodnością mikroorganizmów odpowiedzial-

nych za fermentację ziaren kakaowca ustalono, że prócz drożdży (*Saccharomyces cerevisiae*, *Candida tropicalis*), bakterii kwasu mlekowego (*Lactobacillus cellobiosus*, *Lb. plantarum*), bakterii z rodzaju *Bacillus* (*B. pumilus*, *B. licheniformis*) w procesie biorą udział również bakterie AAB. Wytwarzany przez drożdże etanol wykorzystywany jest przez AAB do produkcji kwasu octowego, który wraz z alkoholem przenika do wnętrza ziaren, powodując w podwyższonej temperaturze śmierć zarodka. Ponadto kwas octowy jest prekursorem substancji odpowiedzialnych za walory smakowe ziaren kakaowca [17]. Wśród izolatów stwierdzono obecność *A. pasteurianus*, *A. ghanensis*, *A. senegalensis*, a także bakterii z rodzaju *Gluconobacter* [4, 31]. Stwierdzono także, że bakterie *Acetobacter* sp. wykazywały wzrost do 24. godziny procesu, uzyskując poziom namnożenia $10^5 \div 10^6$ jtk/g, jednak izolaty charakteryzowały się zróżnicowaną tolerancją na etanol [2].

Podsumowanie

AAB to bardzo zróżnicowana grupa bakterii. Wiedza na temat bakterii octowych ulega ciągłemu poszerzaniu, identyfikowane są nowe gatunki i rodzaje, a poznanie szerokiego spektrum cech biochemicznych podnosi atrakcyjność tych bakterii w zastosowaniu przemysłowym. Pierwotne znaczenie AAB jako producentów octu zostało znacznie rozszerzone. Metabolizm bakterii kwasu octowego umożliwia ich zastosowanie do produkcji żywności fermentowanej o potwierdzonych walorach prozdrowotnych. Rozwój metod i technik badawczych stwarza nowe możliwości wykorzystania tych interesujących mikroorganizmów.

Literatura

- [1] Alauzer A., Teyssier C., Jumas-Bilak E., Gouby A., Chiron R., Rabaud C., Counil F., Lozniewski A., Marchandi H.: *Gluconobacter* as well as *Asaia* species, newly emerging opportunistic human pathogens among acetic acid bacteria. *J. Clin. Microbiol.*, 2010, **48**, 3935-3942.
- [2] Ardhana M.M., Fleet G.H.: The microbial ecology of cocoa bean fermentations in Indonesia. *Int. J. Food Microbiol.*, 2003, **86**, 87-99.
- [3] Ashraf A.M., Rasool M., Mirza S.M.: Nitrogen fixation and indole acetic acid production potential of bacteria isolated from rhizosphere of sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). *Adv. Biol. Res.*, 2011, **6**, 348-355.
- [4] Camu N., De Winter T., Verbrugghe K., Cleenwerck I., Vandamme P., Takrama S.J., Vancanneyt M., De Vuyst L.: Dynamics and biodiversity of population of lactic acid bacteria and acetic acid bacteria involved in spontaneous heap fermentation of cocoa beans in Ghana. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2007, **73**, 1809-1824.
- [5] Cleenwerck I., Vandemeulebroecke K., Janssens D., Swings J.: Reexamination of the genus *Acetobacter*, with descriptions of *Acetobacter cerevisiae* sp. nov. and *Acetobacter malorum* sp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Micr.*, 2002, **52**, 1551-1558.
- [6] Cleenwerck I., De Vos P.: Polyphasic taxonomy of acetic acid bacteria: An overview of the currently applied methodology. *Int. J. Food Microbiol.*, 2008, **125**, 2-14.
- [7] Cleenwerck I., González Á., Camu N., Engelbeen K., De Vos P., De Vuyst L.: *Acetobacter fabarum*

- sp. nov., an acetic acid bacterium from a Ghanaian coca bean heap fermentation. *Int. J. Food Microbiol.*, 2008, **58**, 2180-2185.
- [8] De Vero L., Gala E., Gullo M., Solieri L., Landi S., Giudici P.: Application of denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) analysis to evaluate acetic acid bacteria in traditional balsamic vinegar. *Food Microbiol.*, 2006, **23**, 809-813.
- [9] De Vero L., Giudici P.: Significance and management of acetic acid bacteria culture collections. 3rd International Conference on Acetic Acid Bacteria. Vinegar and other products, Cordoba, Spain, 2013.
- [10] De Vuyst L., De Wachter M., González Á.: Differentiation of species of the family *Acetobacteraceae* by AFLP DNA fingerprinting: *Gluconacetobacter kombuchae* is a later heterotypic synonym of *Gluconacetobacter hansenii*. *Int. J. Syst. Evol. Micr.*, 2009, **7**, 1771-1786.
- [11] Dufresne C., Farnworth E.: Tea kombucha, and health: A review. *Food Res. Int.*, 2000, **33**, 409-421.
- [12] Favia G., Ricci I., Damian C., Raddadi N., Crotti E., Marzorati M., Rizzi A., Urso R., Brusetti L., Borin S., Mora D., Scuppa P., Pasqualini L., Clementi E., Genchi M., Corona S., Negri I., Grandi G., Alma A., Kramer L., Esposito F., Bandi C., Sacchi L., Daffonchio D.: Bacteria of the genus *Asaia* stably associated with *Anopheles stephensi*, an Asian material mosquito vector. *P. Nat. Acad. Sci. USA*, 2007, **104**, 9047-9051.
- [13] Fuentes-Ramirez L.E., Bustillos-Crystales R., Tapia-Hernández A., Jimenéz-Salgado T., Wang E.T., Martínez-Romero E.: Novel nitrogen-fixing acetic acid bacteria, *Gluconobacter johannae* sp. nov. and *Gluconacetobacter azotocaptans* sp. nov., associated with coffee plants. *Int. J. Syst. Evol. Micr.*, 2001, **51**, 1305-1314.
- [14] González A., Guillamón J.M., Mas A., Poblet M.: Application of molecular methods for routine identification of acetic acid bacteria. *Int. J. Food Microbiol.*, 2006, **108**, 141-146.
- [15] Gullo M., Giudici P.: Acetic acid bacteria in traditional balsamic vinegar: Phenotypic traits relevant for starter cultures selection. *Int. J. Food Microbiol.*, 2008, **125**, 46-53.
- [16] Gullo M., Caggia C., De Vero L., Giudici P.: Characterization of acetic acid bacteria in „traditional balsamic vinegar”. *Int. J. Food Microbiol.*, 2006, **106**, 209-212.
- [17] Hansen C.E., Del Olmo M., Burri C.: Enzyme activities during cocoa beans fermentation. *J. Sci. Food Agr.*, 1998, **77**, 273-281.
- [18] Iino T., Suzuki R., Tanaka N., Kosako Y., Ohkuma M., Komagata K., Uchimura T.: *Gluconacetobacter kakiaceti* sp. nov., an acetic acid bacterium isolated from a traditional Japanese fruit vinegar. *Int. J. Syst. Evol. Micr.*, 2012, **62**, 1465-1469.
- [19] Jayabalan R., Subathradevi P., Marimuthu S., Sathishkumar M., Swaminathan K.: Changes in free-radical scavenging ability of kombucha tea during fermentation. *Food Chem.*, 2008, **109**, 227-234.
- [20] Kręgiel D., Rygała A., Libudzisz Z.: Bakterie z rodzaju *Asaia* - nowe zanieczyszczenie smakowych wód mineralnych. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 2011, **2(75)**, 5-16.
- [21] Kręgiel D., Rygała A., Libudzisz Z., Walczak P., Oltuszek-Walczak E.: *Asaia lannensis*- the spoilage acetic acid bacteria isolated from strawberry-flavored bottled water in Poland. *Food Control*, 2012, **26**, 147-150.
- [22] Krommanee J., Tanasupawat S., Yuphan P., Malimas T., Muramatsu Y., Nakagawa Y., Yamada Y.: *Asaia spathodeae* sp. nov., an acetic acid bacterium in *α-Proteobacteria*. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 2010, **56**, 81-87.
- [23] Lisdiyanti P., Katsura K., Potacharoen W., Navarro R.R., Yamada Y., Uchimura T., Komagata K.: Diversity of acetic acid bacteria in Indonesia, Thailand and the Philippines. *Microbiol. Cult. Coll.*, 2003, **19**, 91-99.
- [24] Marsh J.A., O’Sullivan O.O., Hill C., Ross P.R., Cotter P.D.: Sequence-based analysis of the bacterial and fungal compositions of multiple kombucha (tea fungus) samples. *Food Microbiol.*, 2014, **38**, 171-178.
- [25] Mateo E., Torija M.J., Mas A., Bartowsky E.J.: Acetic acid bacteria isolated from grapes of South Australian vineyards. *Int. J. Food Microbiol.*, 2014, **178**, 98-106.
- [26] Matsushita K., Toyama H., Adachi O.: Respiration chains and bioenergetics of acetic acid bacteria. *Adv. Microb. Physiol.*, 1994, **36**, 247-301.

- [27] Moore J.E., McCalmont M., Xu J., Millar B.C., Heaney N.: *Asaia* sp., an unusual spoilage organism of fruit-flavored bottled water. *Appl. Environ. Microb.*, 2002, **68**, 4130-4131.
- [28] Muthukumarasamy R., Cleenwerck I., Revathia G., Vadivelua M., Janssens D., Hoste B., Gum K.U., Park K., Son C.Y., Sa T., Caballero-Mellado J.: Natural association of *Gluconacetobacter diazotrophicus* and diazotrophic *Acetobacter peroxydans* with wetland rice. *Syst. Appl. Microbiol.*, 2005, **28**, 277-286.
- [29] Nanda K., Taniguchi M., Ujike S., Ishihara N., Mori H., Ono H., Murooka Y.: Characterization of acetic acid bacteria in traditional acetic acid fermentation of rice vinegar (Komesu) and unpolished rice vinegar (Kurosus) produced in Japan. *Appl. Environ. Microb.*, 2001, **67**, 986-990.
- [30] Ndoye B., Lebecqque S., Dubois-Dauphin R., Tounkanra L., Guiro A.T., Kere C., Diawara B., Thonart P.: Thermoresistant properties of acetic acid bacteria isolated from tropical products of Sub-Saharan Africa and destined to industrial vinegar. *Enzyme Microb. Tech.*, 2006, **39**, 916-923.
- [31] Nielsen D., Teniola O., Ban-Koffi L., Owusu M., Andersson T.S., Holzapfel W.H.: The microbiology of Ghanaian cocoa fermentations analyzed using culture-dependent and culture-independent methods. *Int. J. Food Microbiol.*, 2007, **114**, 168-186.
- [32] Pedraza R.O.: Recent advances in nitrogen-fixing acetic acid bacteria. *Int. J. Food Microbiol.*, 2008, **125**, 25-35.
- [33] Prieto C., Jara C., Mas A., Romero J.: Application of molecular methods for analyzing the distribution and diversity of acetic acid bacteria in Chilean vineyards. *Int. J. Food Microbiol.*, 2007, **115**, 348-355.
- [34] Raspor P., Goranovič D.: Biotechnological applications of acetic acid bacteria. *Crit. Rev. Biotechnol.*, 2008, **28**, 101-124.
- [35] Seearunruangchai A., Tanasupawat S., Keeratipibul S., Thawai C., Itoh T., Yamada Y.: Identification of acetic acid bacteria isolated from fruits collected in Thailand. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 2004, **50**, 47-53.
- [36] Sengun I.Y., Karabiyikli S.: Importance of acetic acid bacteria in food industry. *Food Control*, 2011, **22**, 647-656.
- [37] Sharafi S.M., Rasooli I., Besheshti-Maal K.: Isolation, characterization and optimization of indigenous acetic acid bacteria and evaluation of their preservation methods. *Iranian J. Microbiol.*, 2010, **2**, 38-45.
- [38] Solieri L., Giudici P.: Vinegars of the world. In: *Vinegars of the world*. Eds. Solieri L., Giudici P. Springer-Verlag, Segrate 2009, pp. 2-5.
- [39] Stratford M., Capell C.J.: Soft drinks: Microbiology. *Encyclopedia of Food Sciences and Nutrition*. Oxford Academic Press. 2nd ed. Vol. 8. 2003, 5358-5366.
- [40] Suzuki R., Zhang Y., Iino T., Kosako Y., Komagata K., Uchimura T.: *Asaia astilbis* sp. nov., *Asaia platycodi* sp. nov., and *Asaia prunellae* sp. nov. novel acetic acid bacteria isolated from flowers in Japan. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 2010, **56**, 339-346.
- [41] Takao I., Suzuki R., Kosako Y., Ohkuma M., Komagata K., Uchimura T.: *Acetobacter okinawensis* sp. nov., *Acetobacter papayae* sp. nov., and *Acetobacter persicus* sp. nov., novel acetic acid bacteria isolated from stems of sugarcane, fruits, and flowers in Japan. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 2012, **58**, 235-243.
- [42] Tuuminen T., Heinäsmäki T., Kertulla T.: First report of bacteremia by *Asaia bogorensis*, in patient with a history of intravenous-drug abuse. *J. Clin. Microbiol.*, 2006, **44**, 3048-3050.
- [43] Wu J.J., Gullo M., Chen F.S., Giudici P.: Diversity of *Acetobacter pasteurianus* strains isolated from solid-state fermentation of cereal vinegars. *Curr. Microbiol.*, 2010, **60**, 280-286.
- [44] Wu J.J., Ma K.Y., Zhang F.F., Chen F.S.: Biodiversity of yeasts, lactic acid bacteria and acetic acid bacteria in the fermentation of „Shanxi aged vinegar”, a traditional Chinese vinegar. *Food Microbiol.*, 2012, **30**, 289-297.
- [45] Yamada Y., Katsura K., Kawasaki H., Widyastuti Y., Saono S., Seki T., Uchimura T., Komagata K.: *Asaia bogorensis* gen. nov., sp. nov., an unusual acetic acid bacterium in the α -*Proteobacteria*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 2000, **50**, 823-829.
- [46] Yukphan P., Malimas T., Muramatsu Y., Takahashi M., Kaneyasu M., Potacharoen W., Tanasupawat S., Nakagawa Y., Hamana K., Tahara Y., Suzuki K.I., Tanticharoen M., Yamada Y.:

- Ameyamaea chiangmaiensis* gen. nov., sp. nov., an acetic acid bacterium in *α-Proteobacteria*. Biosci. Biotech. Bioch., 2009, **73**, 2156-2162.
- [47] Yukphan P., Malimas T., Potacharoen W., Tanasupawat S., Tanticharoen M., Yamada Y.: *Neosaiia chingmaiensis* gen. nov., sp. nov., a novel osmotolerant acetic acid bacterium in the *α-Proteobacteria*. J. Gen. Appl. Microbiol., 2005, **51**, 301-311.
- [48] Vegas C.C., Mateo E., González Á., Jara C., Guillamón J.M., Poblet M., Torija J., Mas A.: Population dynamics of acetic acid bacteria during traditional wine vinegar production. Int. J. Food Microbiol., 2010, **138**, 130-136.
- [49] Vijayaraghavan R., Singh M., Rao P.V.L., Bhattacharya R., Kumar P., Sugendran K., Kumar O., Pant S.C., Singh R.: Subacute (90 days) oral toxicity studies of kombucha tea. Biomed. Environ. Sci., 2000, **13**, 293-299.
- [50] Vu H.T.L., Yukphan P., Chaipitakchonlatam W., Malimas T., Muramatsu Y., Bui U.T.T., Tanasupawat S., Duong K.C., Nakagawa Y., Pham H.T., Yamada Y.: *Nguyenibacter vanlangensis* gen. nov., sp. nov., an unusual acetic acid bacterium in the *α-Proteobacteria*. J. Gen. Appl. Microbiol., 2013, **59**, 153-166.
- [51] www.bacterio.net Dostęp w Internecie: [03.04.2014 r.].

ACETIC ACID BACTERIA – TAXONOMY, ECOLOGY, AND INDUSTRIAL APPLICATION

S u m m a r y

Acetic acid bacteria (AAB) are gram negative, aerobic rods that are widespread in nature. They are isolated both from the environments of plant origin, such as flowers, fruits, honeys, and cultivated plants, and the flavoured mineral waters that are microbiologically contaminated, as well as from the products produced using targeted and spontaneous fermentation processes. The taxonomy of AAB is characterized by high dynamics. This paper is a review of the literature on the physiology and morphology of AAB, and on those biochemical properties thereof, which are included into the range of polyphasic taxonomy. In recent years, the polyphasic studies made it possible to create new genera and species of AAB. Selected aspects are discussed of using acetic acid bacteria in food industry, especially to produce traditional wine vinegars and regional vinegars. Moreover, the use of AAB is described in the fermentation processes of cocoa beans and in the production of kombucha tea.

Key words: acetic bacteria, polyphasic taxonomy, ecology, wine vinegars, kombucha ☒